

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

MARCADOR MOLECULAR SSR: UMA REVISÃO DE LITERATURA

**Ronei Costa Silva¹, Cintia dos Santos Bento¹, Thiarly de Abreu Carvalho²,
Bárbara Caetano Ferreira², Monique Moreira Moulin² José Dias de Souza Neto².**

¹Universidade Federal do Espírito Santo, Alto Universitário, s/nº, Guararema - 29500-000 - Alegre-ES, Brasil, roneisilva2008@hotmail.com, cintia_bento@yahoo.com.br.

²Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Espírito Santo – Ifes Campus de Alegre, Rodovia ES-482 (Cachoeiro-Alegre), Km 72 – Rive – 29500000 – Alegre – ES, Brasil, thiarly1984@outlook.com, barbaracfbio@gmail.com, mmmoulin@ifes.edu.br, jose.neto@ifes.edu.br.

Resumo

Os marcadores moleculares do tipo SSR (Simple Sequence Repeats) e ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) são sequências de DNA altamente informativas para estudos de diversidade genética e identificação de polimorfismos em plantas e organismos. Os marcadores SSR são baseados em sequências curtas de DNA repetidas, enquanto os marcadores ISSR exploram variações de sequências entre regiões repetidas dispersas. Ambos são amplamente utilizados em genética, genômica e melhoramento de plantas devido à sua facilidade de desenvolvimento, alta variabilidade e aplicabilidade em diversas espécies. Objetivou-se com trabalho realizar um levantamento bibliográfico sobre os principais artigos sobre o tema, realizando uma pesquisa bibliográfica em fontes científicas (livros e artigos científicos pesquisados em sites institucionais, repositórios acadêmicos, Google Acadêmico, Scientific Electronic Library Online SciELO, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e Repositórios Institucionais. Marcadores moleculares são ferramentas valiosas para pesquisas genéticas e conservação de recursos genéticos.

Palavras-chave: Genotipagem. Polimorfismo. Melhoramento genético

Área do Conhecimento: Engenharia agrônômica – Engenharia Florestal.

Introdução

Sequências de DNA específicas com a capacidade de serem detectáveis, quando conectadas com a característica de interesse ou genes ligados em um determinado sítio do genoma são referidos como marcadores moleculares. Em comparação com marcadores convencionais, marcadores baseados em DNA identificam variação genética dentro ou entre espécies de plantas (CERVERA et al. 2000; QU et al. 2011). No caso do melhoramento de plantas, vários marcadores moleculares têm sido utilizados para a análise da diversidade genética (SMITH, 1992; FARIA et al 2022). Os marcadores moleculares podem destacar as diferenças (polimorfismos) dentro de uma sequência de ácido nucleico entre diferentes indivíduos. Essas diferenças incluem inserções, deleções, translocações, duplicações e mutações pontuais. Eles não abrangem, no entanto, a atividade de genes específicos (MONDINI et al, 2009). O principal objetivo de um melhorista de plantas é melhorar a cultivar exótica que é deficiente em uma ou mais características através do cruzamento do novo indivíduo com outro com novas características de interesse (PHILLIPS et al, 2021). No melhoramento convencional, todo o genoma pode ser desenvolvido pelo cruzamento entre características de interesse por meio de recombinação; no entanto, o melhoramento convencional leva mais tempo e é trabalhoso selecionar fenótipos para a característica de interesse que podem ser enganosos devido a efeitos ambientais (WANI et al, 2022).

Para resolver esses problemas, o melhoramento convencional está sendo substituído pelo melhoramento molecular. O melhoramento molecular tem sido empregado por vários criadores de plantas e pesquisadores.

Metodologia

Este trabalho foi realizado a partir de uma pesquisa bibliográfica exploratória, que visa “[...] proporcionar maior familiaridade com o problema com vistas a torna-lo explícito ou a construir hipóteses” (GIL, 2006). Foi utilizado como procedimento metodológico a Pesquisa Aplicada, que “se concentra em torno dos problemas presentes nas atividades das instituições, organizações, grupos ou

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

atores sociais. Ela está empenhada na elaboração de diagnósticos, identificação de problemas e busca de soluções. Responde a uma demanda formulada por “clientes, atores sociais ou instituições” (THIOLLENT, 2009).

Quanto a abordagem do problema, a pesquisa pode ser qualitativa “[...] analisar e interpretar aspectos mais profundos, descrevendo a complexidade do comportamento humano. Fornece análise mais detalhada sobre as investigações, hábitos, atitudes, tendências de comportamento, entre outros” (LAKATOS; MARCONI, 2012, p. 269). Optou-se assim neste estudo como método de procedimento a pesquisa bibliográfica que “[...] é desenvolvida com base em material já elaborado, constituído principalmente de livros e artigos científicos” (GIL, 2006) e também “[...] atualmente com material disponibilizado na Internet” (GIL, 2006), como tratamentos de temas novos voltados a tecnologia, utilizaremos também Sites Institucionais, Repositórios Acadêmicos, Google Acadêmico, Scientific Electronic Library Online (SciELO) e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

Diante do exposto, pode se dizer que este estudo foi desenvolvido exclusivamente a partir da seleção de fontes bibliográficas registradas na literatura corrente que apresentam aspectos de interesse no âmbito desta pesquisa.

Resultados

Repetições de sequência simples (SSR) são encontradas em genomas procarióticos e eucarióticos (TÓTH et al, 2000; ABDULAZEEZ et al, 2021). Estes são conhecidos por vários outros nomes, como marcadores de repetição em tandem curtos, marcadores de microssatélites e marcadores de microssatélites marcados com sequência (STMS). Estes consistem em sequências de repetições, compreendendo motivos (*motifs*) curtos básicos geralmente entre dois e seis *bp* (pares de bases) de comprimento. Os polimorfismos associados a um locus específico devem-se à variação da diversidade no comprimento do microssatélite, que por sua vez depende do número de repetições do motivo básico. As variações no número de unidades repetidas em tandem são amplamente atribuídas ao deslizamento da fita durante a replicação do DNA, onde as repetições permitem a correspondência por meio de exclusão ou adição de repetições (SCHLOTTERER et al, 1992). É um marcador hipervariável disponível na natureza (JIANG et al, 2013). Os microssatélites são diferenciados com base em indivíduos que possuem loci únicos chamados de polimorfismo e pode ser analisado por PCR. SSR ou microssatélite é codominante, altamente abundante, com uma enorme extensão de diversidade alélica e facilidade de avaliar a variação de tamanho de SSR devido à especificidade do locus (BOCIANOWSKI et al 2021). Os marcadores SSR são utilizados para a análise da diversidade genética e caracterização do germoplasma, investigando a diversidade genômica de variedades crioulas de diversas espécies, linhagens endogâmicas e polinização aberta, e seleção assistida.

A seleção pode ser feita usando marcadores moleculares sendo mais eficaz para características com baixa herdabilidade em comparação com a seleção com base somente em caracteres fenotípicos (LANDE, THOMPSON, 1990).

Os marcadores moleculares podem ser usados para localizar loci de características quantitativas (QTL) e medir os efeitos do marcador nas primeiras gerações. Para que seleção assistida por marcadores seja útil para melhorar a eficiência dos testes de geração inicial, os efeitos dos marcadores estimados nas gerações iniciais devem concordar com os das gerações posteriores. A seleção para geração inicial pode ser feita usando descendência de semente única (SSD) e por meio de haploides duplos (LANDE, THOMPSON, 1990).

Discussão

Para os melhoristas de plantas, a caracterização do germoplasma é uma etapa crítica para identificar as variações dentro da população natural e nas entrelinhas para a conservação da biodiversidade e o uso do germoplasma no futuro. A variação genética pode ser totalmente explorada usando a caracterização molecular (ARZHANG et al, 2022; ANDORF et al, 2019). A variação genética é detectada usando marcadores SSR no milho que podem facilmente detectar as variações fenotípicas e funções biológicas desejáveis (ANDORF et al, 2019). Os melhoristas podem selecionar a característica de interesse na geração inicial com base na herdabilidade de características fenotípicas

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

(LANDE, THOMPSON, 1990); no entanto, essa técnica fornece resultados tendenciosos; para superar esse problema, a seleção deve ser realizada usando marcadores moleculares e características simultâneas devem ser selecionadas na geração inicial da cultivar (STROMBERG et al, 1994).

Conclusão

Os marcadores moleculares fornecem uma riqueza de informações sobre a estrutura, organização e evolução do genoma. Eles também são úteis para o mapeamento de características qualitativas e quantitativas, construção de mapas de ligação, melhoramento de germoplasma (PEARL et al. 2003), genotipagem, identificação parental e genética populacional. A associação genômica estuda a identificação e posicionamento de genes de características importantes, que auxiliam na MAS (*Marker Assisted Selection*) e na clonagem de genes. Outros usos de marcadores moleculares estão no desenvolvimento de programas de retrocruzamento para a caracterização de germoplasmas, diagnóstico de doenças e relações filogenéticas para estudar processos evolutivos.

Referências

Abdulazeez SD, Kakarash SA, Ismael NB. Genetic diversity among ten maize genotypes using simple sequence repeat DNA markers. *Polytech J.* 2021; 11: 32-37.

Andorf C, Beavis WD, Hufford M, Smith S, Suza WP, Wang K, et al. Technological advances in maize breeding: Past, present and future. *Theor Appl Genet.* 2019; 132: 817-849.

Arzhang S, Darvishzadeh R, Alipour H. Evaluation of genetic diversity of maize lines (*Zea mays* L.) under normal and salinity stress conditions. *Cereal Res.* 2022. doi:10.22124/CR.2022.21075.1699.

Bocianowski J, Nowosad K, Wróbel B, Szulc P. Identification of associations between SSR markers and quantitative traits of maize (*Zea mays* L.). *Agronomy.* 2021; 11: 182.

Cervera MT, Remington D, Frigerio JM, Storme V, Ivens B, Boerjan W, Plomion C (2000) Improved AFLP analysis of tree species. *Can J For Res* 30:1608–1616.

Crespel L, Chirollet M, Durel C, Zhang D, Meynet J, Gudin S (2002) Mapping of qualitative and quantitative phenotypic traits in *Rosa* using AFLP markers. *Theor Appl Genet* 105:1207–1214.

De Faria SV, Zuffo LT, Rezende WM, Caixeta DG, Pereira HD, Azevedo CF, et al. Phenotypic and molecular characterization of a set of tropical maize inbred lines from a public breeding program in Brazil. *BMC Genomics.* 2022; 23: 54.

De la Rosa R, Angiolillo A, Guerrero C, Pellegrini M, Rallo L, Besnard G, Bervillé A, Martin A, Baldoni L (2003) A first linkage map of olive (*Olea europaea* L.) cultivars using RAPD, AFLP, RFLP and SSR markers. *Theor Appl Genet* 106:1273–1282.

KUMAR, Anand et al. Molecular Marker Analysis of Genetic Diversity in Maize: A Review. *OBM Genetics*, v. 6, n. 1, p. 1-19, 2022.

Lande R, Thompson R. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Genetics.* 1990; 124: 743-756.

Li P, Cui X, Li Y, Wang Z (2011) Epitope mapping and identification on a 3D model built for the tartary buckwheat allergic protein TBb. *Acta Biochim Biophys Sin* 43:441–447.

Mondini L, Noorani A, Pagnotta MA. Assessing plant genetic diversity by molecular tools. *Diversity.* 2009; 1: 19-35.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Pearl HM, Nagai C, Moore PH, Steiger DL, Osgood RV, Ming R (2003) Construction of a genetic map for arabica coffee. *Theor Appl Genet* 108:829–835.

Phillips RL, Vasil IK. Introduction: Molecular marker maps of major crop species. In: DNA-based markers in plants. Switzerland: Springer; 1st ed. 2001. p. page 142-143.

Qu J, Hao Y, Zhu Y, Wu C, Wang W, Leng P (2011) Studies on germplasm of Juglans by EST-SSR markers. *Acta Horti Sin* 38:441–448.

Ribeiro MdNO, Carvalho SPd, Santos JBd, Antonio RP (2011) Genetic variability among cassava accessions based on SSR markers. *Crop Breed Appl Biotechnol* 11(3):263–269. <https://doi.org/10.1590/s1984-70332011000300009>.

Schlotterer C, Tautz D. Slippage synthesis of simple sequence DNA. *Nucleic Acids Res.* 1992; 20: 211-215. 93. Jiang W, Bikard D, Cox D, Zhang F, Marraffini LA. RNA-guided editing of bacterial genomes using CRISPR-Cas systems. *Nature Biotech.* 2013; 31: 233-239.

SHAH, Rafiq Ahmad et al. Morphological to Molecular Markers: Plant Genetic Diversity Studies in Walnut (*Juglans regia* L.)—A Review. *Erwerbs-Obstbau*, p. 1-13, 2023.

Smith OS. Measurement of genetic diversity among maize hybrids: A comparison of isozymic, RFLP, pedigree and heterosis data. *Maydica.* 1992; 37: 53- 60.

Stromberg LD, Dudley JW, Rufener GK. Comparing conventional early generation selection with molecular marker assisted selection in maize. *Crop Sci.* 1994; 34: 1221-1225.

Tóth G, Gáspári Z, Jurka J. Microsatellites in different eukaryotic genomes: Survey and analysis. *Genome Res.* 2000; 10: 967-981.

Wani SH, Samantara K, Razzaq A, Kakani G, Kumar P. Back to the wild: Mining maize (*Zea mays* L.) disease resistance using advanced breeding tools. *Mol Biol Rep.* 2022. doi: 10.1007/s11033- 021-06815-x.